```
<!--StartFragment-->RESULT 3
US-10-843-656-2
; Sequence 2, Application US/10843656
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Vilalta, Adrian
;   APPLICANT:  Evans, Thomas G.
;   APPLICANT:  Quong, Melanie W.
;   APPLICANT:  Manthorpe, Marston
;   TITLE OF INVENTION: Severe Acute Respiratory Syndrome DNA Vaccine Compositions and
;   TITLE OF INVENTION:  Method of Use
;   FILE REFERENCE: 1530.0670002
;   CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/843,656
;   CURRENT FILING DATE:  2004-05-12
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/482,505
;   PRIOR FILING DATE: 2003-06-26
;   PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/470,820
;   PRIOR FILING DATE: 2003-05-16
;   NUMBER OF SEQ ID NOS: 69
;   SOFTWARE: PatentIn version 3.2
; SEQ ID NO 2
;   LENGTH: 1196
;   TYPE: PRT
;   ORGANISM: SARS-CoV Urbani strain
US-10-843-656-2

    Query Match            100.0%; Score 6271; DB 38; Length 1196;
    Best Local Similarity  100.0%; Pred. No. 0;
    Matches 1193; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy      1 MFIFLLFLTLTSGSDLDRCTTFDDVQAPNYTQHTSSMRGVYYPDEIFRSDTLYLTQDLFL 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 MFIFLLFLTLTSGSDLDRCTTFDDVQAPNYTQHTSSMRGVYYPDEIFRSDTLYLTQDLFL 60

Qy     61 PFYSNVTGFHTINHTFGNPVIPFKDGIYFAATEKSNVVRGWVFGSTMNNKSQSVIIINNS 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 PFYSNVTGFHTINHTFGNPVIPFKDGIYFAATEKSNVVRGWVFGSTMNNKSQSVIIINNS 120

Qy    121 TNVVIRACNFELCDNPFFAVSKPMGTQTHTMIFDNAFNCTFEYISDAFSLDVSEKSGNFK 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TNVVIRACNFELCDNPFFAVSKPMGTQTHTMIFDNAFNCTFEYISDAFSLDVSEKSGNFK 180

Qy    181 HLREFVFKNKDGFLYVYKGYQPIDVVRDLPSGFNTLKPIFKLPLGINITNFRAILTAFSP 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 HLREFVFKNKDGFLYVYKGYQPIDVVRDLPSGFNTLKPIFKLPLGINITNFRAILTAFSP 240

Qy    241 AQDIWGTSAAAYFVGYLKPTTFMLKYDENGTITDAVDCSQNPLAELKCSVKSFEIDKGIY 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 AQDIWGTSAAAYFVGYLKPTTFMLKYDENGTITDAVDCSQNPLAELKCSVKSFEIDKGIY 300

Qy    301 QTSNFRVVPSGDVVRFPNITNLCPFGEVFNATKFPSVYAWERKKISNCVADYSVLYNSTF 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 QTSNFRVVPSGDVVRFPNITNLCPFGEVFNATKFPSVYAWERKKISNCVADYSVLYNSTF 360

Qy    361 FSTFKCYGVSATKLNDLCFSNVYADSFVVKGDDVRQIAPGQTGVIADYNYKLPDDFMGCV 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 FSTFKCYGVSATKLNDLCFSNVYADSFVVKGDDVRQIAPGQTGVIADYNYKLPDDFMGCV 420

Qy    421 LAWNTRNIDATSTGNYNYKYRYLRHGKLRPFERDISNVPFSPDGKPCTPPALNCYWPLND 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 LAWNTRNIDATSTGNYNYKYRYLRHGKLRPFERDISNVPFSPDGKPCTPPALNCYWPLND 480

Qy    481 YGFYTTTGIGYQPYRVVVLSFELLNAPATVCGPKLSTDLIKNQCVNFNFNGLTGTGVLTP 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 YGFYTTTGIGYQPYRVVVLSFELLNAPATVCGPKLSTDLIKNQCVNFNFNGLTGTGVLTP 540

Qy    541 SSKRFQPFQQFGRDVSDFTDSVRDPKTSEILDISPCSFGGVSVITPGTNASSEVAVLYQD 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     541  SSKRFQPFQQFGRDVSDFTDSVRDPKTSEILDISPCSFGGVSVITPGTNASSEVAVLYQD 600

Qy     601  VNCTDVSTAIHADQLTPAWRIYSTGNNVFQTQAGCLIGAEHVDTSYECDIPIGAGICASY 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601  VNCTDVSTAIHADQLTPAWRIYSTGNNVFQTQAGCLIGAEHVDTSYECDIPIGAGICASY 660

Qy     661  HTVSLLRSTSQKSIVAYTMSLGADSSIAYSNNTIAIPTNFSISITTEVMPVSMAKTSVDC 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661  HTVSLLRSTSQKSIVAYTMSLGADSSIAYSNNTIAIPTNFSISITTEVMPVSMAKTSVDC 720

Qy     721  NMYICGDSTECANLLLQYGSFCTQLNRALSGIAAEQDRNTREVFAQVKQMYKTPTLKYFG 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721  NMYICGDSTECANLLLQYGSFCTQLNRALSGIAAEQDRNTREVFAQVKQMYKTPTLKYFG 780

Qy     781  GFNFSQILPDPLKPTKRSFIEDLLFNKVTLADAGFMKQYGECLGDINARDLICAQKFNGL 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781  GFNFSQILPDPLKPTKRSFIEDLLFNKVTLADAGFMKQYGECLGDINARDLICAQKFNGL 840

Qy     841  TVLPPLLTDDMIAAYTAALVSGTATAGWTFGAGAALQIPFAMQMAYRFNGIGVTQNVLYE 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841  TVLPPLLTDDMIAAYTAALVSGTATAGWTFGAGAALQIPFAMQMAYRFNGIGVTQNVLYE 900

Qy     901  NQKQIANQFNKAISQIQESLTTTSTALGKLQDVVNQNAQALNTLVKQLSSNFGAISSVLN 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901  NQKQIANQFNKAISQIQESLTTTSTALGKLQDVVNQNAQALNTLVKQLSSNFGAISSVLN 960

Qy     961  DILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLAATKMSECVLGQSK 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961  DILSRLDKVEAEVQIDRLITGRLQSLQTYVTQQLIRAAEIRASANLAATKMSECVLGQSK 1020

Qy    1021  RVDFCGKGYHLMSFPQAAPHGVVFLHVTYVPSQERNFTTAPAICHEGKAYFPREGVFVFN 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021  RVDFCGKGYHLMSFPQAAPHGVVFLHVTYVPSQERNFTTAPAICHEGKAYFPREGVFVFN 1080

Qy    1081  GTSWFITQRNFFSPQIITTDNTFVSGNCDVVIGIINNTVYDPLQPELDSFKEELDKYFKN 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081  GTSWFITQRNFFSPQIITTDNTFVSGNCDVVIGIINNTVYDPLQPELDSFKEELDKYFKN 1140

Qy    1141  HTSPDVDLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDLQELGKYEQYIK 1193
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141  HTSPDVDLGDISGINASVVNIQKEIDRLNEVAKNLNESLIDLQELGKYEQYIK 1193

<!--EndFragment-->
```